

GenCore version 4.5
Copyright (c) 1993 - 2000 CompuGen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: December 26, 2001, 10:35:39 ; Search time 28.78 Seconds
(without alignments)
2378.577 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-967-7
Perfect score: 2540
Sequence: 1 MKNILVILISLFINQIKS.....QCDPANFLSLLLISYLL 468

Scoring table: BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 473505 seqs, 146272329 residues 473505
Total number of hits satisfying chosen parameters:

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : SPTREMBL_17:*
1: sp_archaea:*
2: sp_bacteria:*
3: sp_fungi:*
4: sp_human:*
5: sp_invertebrate:*
6: sp_mammal:*
7: sp_mhc:*
8: sp_organelle:*
9: sp_phase:*
10: sp_plant:*
11: sp_protist:*
12: sp_virus:*
13: sp_vertebrate:*
14: sp_unclassified:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2540	100.0	468	5 Q9BMH3	Q9bmh3 ichthyophth
2	921	36.3	442	5 Q9XZG2	Q9xzg2 ichthyophth
3	775.5	30.5	394	5 Q27208	Q27208 ichthyophth
4	345	13.6	371	5 Q9GPP0	Q9gpp0 tetrahymena
5	289.5	11.4	316	5 Q9GPP3	Q9gpp3 tetrahymena
6	286.5	11.3	316	5 Q9GPP4	Q9gpp4 tetrahymena
7	283.5	11.2	305	5 Q9GPP2	Q9gpp2 tetrahymena
8	236	9.3	594	5 Q24970	Q24970 giardia lam
9	232	9.1	645	5 Q97448	Q97448 giardia lam
10	228	9.0	1275	5 Q24977	Q24977 giardia lam
11	227.5	9.0	667	5 Q9XTK3	Q9xtk3 giardia lam
12	226	8.9	719	5 Q9U019	Q9u019 giardia lam
13	221.5	8.7	719	5 Q9U021	Q9u021 giardia lam
14	219	8.6	1274	5 Q9NGL3	Q9ngl3 giardia lam
15	218.5	8.6	548	5 Q9GQ45	Q9gq45 giardia lam
16	218.5	8.6	1372	5 P91526	P91526 caenorhabdi
17	218	8.6	1154	5 Q9GQ46	Q9gq46 giardia lam
18	216.5	8.5	436	5 Q27197	Q27197 tetrahymena
19	216.5	8.5	597	5 Q07317	Q07317 giardia int

20	210.5	8.3	560	5	Q9U013	Q9u013 giardia lam
21	210.5	8.3	769	5	Q24971	Q24971 giardia lam
22	209	8.2	704	5	Q9U048	Q9u048 giardia lam
23	206	8.1	3396	5	Q9VM55	Q9vm55 drosophila
24	205	8.1	709	5	Q9XTJ7	Q9xtj7 giardia lam
25	202	8.0	1551	5	Q9NGV4	Q9ngv4 drosophila
26	200	7.9	1704	5	Q94446	Q94446 chironomus
27	199	7.8	709	5	Q97444	Q97444 giardia lam
28	198	7.8	394	5	Q9GQ47	Q9gq47 giardia lam
29	197	7.8	557	5	Q24992	Q24992 giardia lam
30	196	7.7	503	5	Q9U018	Q9u018 giardia lam
31	193	7.6	556	5	Q9NGZ3	Q9ngz3 giardia lam
32	191.5	7.5	704	3	Q74567	Q74567 trichoderma
33	191.5	7.5	1297	5	Q26632	Q26632 strongyloce
34	190.5	7.5	2972	5	P90891	P90891 caenorhabdi
35	189	7.4	1622	5	Q06550	Q06550 cryptospori
36	189	7.4	5374	11	Q99ND0	Q99nd0 mus musculu
37	188.5	7.4	350	5	Q94589	Q94589 lembadion b
38	188.5	7.4	2759	5	Q45614	Q45614 caenorhabdi
39	188.5	7.4	3102	5	Q9TZR4	Q9tzzr4 caenorhabdi
40	188	7.4	739	5	Q9GS24	Q9gs24 giardia lam
41	187.5	7.4	1459	5	O17084	O17084 caenorhabdi
42	187	7.4	423	5	Q9U697	Q9u697 tetrahymena
43	186	7.3	545	5	Q9GQ44	Q9gq44 giardia lam
44	184.5	7.3	3567	11	Q9ES77	Q9es77 mus musculu
45	183.5	7.2	1679	5	Q24301	Q24301 drosophila

ALIGNMENTS

RESULT 1
Q9BMH3
ID Q9BMH3 PRELIMINARY; PRT; 468 AA.
AC
DT 01-JUN-2001 (T-EMBLrel. 17, Created)
DT 01-JUN-2001 (T-EMBLrel. 17, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (T-EMBLrel. 17, Last annotation update)
DE IMMOBILIZATION ANTIGEN ISOFORM.
GN IAG52A.
OS Ichthyophthirius multifiliis.
OC Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Oligohymenophorea; Hymenostomatida;
OC Ophryoglenina; Ichthyophthirius.
OX NCBI_TaxID=5932;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=G5;
RA Lin Y., Lin T.-L., Clark T.G.;
RT "Variation in primary sequence and tandem repeat copy number among i-
RT antigen genes of Ichthyophthirius multifiliis.";
RL Submitted (NOV-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL; AF324424; AAK01661.1; -;
SQ SEQUENCE 468 AA; 48281 MW; BEA6DA42833A7726 CRC64;

Query Match 100.0%; Score 2540; DB 5; Length 468;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-192;
Matches 468; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 MKNILVILISLFINQIKSANGPVGTETNTAGQVDDLTGPANCVCQKNFYNNAAAFV 60
Db 1 MKNILVILISLFINQIKSANGPVGTETNTAGQVDDLTGPANCVCQKNFYNNAAAFV 60
QY 61 PGASTCTPCQKKDAGAQPNPPATANLVTCQNVKCPAGTAIAGGATDYAAIITECVNCR 120
Db 61 PGASTCTPCQKKDAGAQPNPPATANLVTCQNVKCPAGTAIAGGATDYAAIITECVNCR 120
QY 121 NFYENAPNFNAGASTCTACPNVRVGGALTAGNAAITVACQNVACPTGTALDDGVTTDY 180
Db 121 NFYENAPNFNAGASTCTACPNVRVGGALTAGNAAITVACQNVACPTGTALDDGVTTDY 180
QY 181 RSPTECVKRLNFYNNNGNTNPNPKSQCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITTAQCNTVA 240
Db 181 RSPTECVKRLNFYNNNGNTNPNPKSQCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITTAQCNTVA 240

```

118 Db DVFDRSAAQCVCVKPKNFYNGGSPQGEAPGVQVFAAGAAAGVAAVTSOCVPCQLNK--N 173
120
122 QY VAQATLGNDAITITACQNVACPDGTITSAAGVNNWVAQNTD---CTNCAPNFYNN-----N 272
124
176 Db DSPATAGAQAANLATQCSNOCPTGTVLDDGVT--LVENTSATLVCVKRPNFYNGGSPQGE 233
178
273 QY APN---FNPG-----NSTCLPCPANKDYGAEMATAGGAATLAKOCINACPDGTAIAS 320
180
234 Db APGVQVFAAGAAAGVAAVTSQCVPCQINKN-DSPATAGAQAANLATQCSNOCPTGTAIQD 292
182
321 QY GAT-NYVILQTECLNCAANFYFDGNFQAGSRCKACAPANKVOGAVATAGGTATLLAQCA 379
184
293 Db GVTLVFSN SSTQCQCICIANFYFNG-NFEAGKSQCLKCPVSKTTPAHA-PGNTATQATQCL 410
186
380 QY LECPPAGTVLTGDTSTYKQAAECVCKAANFYTTKQTDWVAGTDTCTSCNKKLTSGAEAN 439
188
351 Db TTCPAGTVLDDGTSTNFVASATECTKCSAGFFASKTGTGTAGTDTCTECTKKLTSGATAK 410
190
440 QY LPSAKKNIOC---DFANFLSILLLISVYLL 468
192
411 Db VYAEATQKVQCASTTFEAKFUSILLLISFYLL 442
194
196 RESULT 3
198 Q27208 ID Q27208 PRELIMINARY; PRG; 394 AA.
200 AC Q27208;
202 DT 01-NOV-1996 (TREMBlrel. 01, Created)
204 DT 01-NOV-1998 (TREMBlrel. 08, Last sequence update)
206 DT 01-NOV-2000 (TREMBlrel. 14, Last annotation update)

```

[illegible]

```
Db 3 CPDGTQFQ-AGLTDVCAADLGT---CVNCRPNFYNGGAA-----QGEAN 43
QY 79 PNPATANLVTCNVKCPAGTAAGGATDYAAIITECVNCRINFYNENAPNENAGASTCT 138
Db 44 GNOPEAAN-----NAARGICV 59
QY 139 ACPVNRVGGALTAGNAATIAVACNVACPTGTALDDGVITDYVRSFTECVKRLNRYNGN 198
Db 60 PCQINRVGVTNAGDUATLQCTQCPTGTALDDGVITDYVRSFTECVKRLNRYNGN 198
QY 199 N--GNTP-----FNPG-----KSQTPCPAIPKAPNVAQATLGNDAITTAOCNVACPD 243
Db 120 SPQGEAPGVQVFAAGAAAGVAATVSCQVPCOLNK--NDSPATAGAQAQNLATQCSNQCP 177
QY 244 GTISAAGVNNWVAQNTN-----CNCPNPNFYNN-----NPN-----FNPG-----NST 282
Db 178 GTVLDGVIT--LVFNTPSATVLCVKCRPNFYNGGSPQGEAPGVQVFAAGAAAGVAATV 235
QY 283 CLPCPANKDYGAETAGGAAATLAKOCNACPDGTATAGAT--NYVILQTECLNCAANFYF 341
Db 236 CVPQOLNKN--DSPATAGAQAQNLATQCTQCPTGTALDDGVITDYVRSFTECVKRLNRYNGN 294
QY 342 DGNFQAGSSRCKACPANKVQAVAGTAGTATLIAQCALECPAGTVLTDGTTSTYKQAA 401
Db 295 NG-NLEAGKSOCLKCPVSKTTPAHA--PGNTATQATQCLTTCPAGTVLTDGTTSTYKQAA 352
QY 402 ECVKCAANFYTTKQTDWAGIDTCTSCNKKLTSGAEA 438
Db 353 ECTKCSAGFFASKTTGFTAGTDTCTECTCKLTSGATA 389
```

```
RESULT 4
Q9GPP0 PRELIMINARY; PRT; 371 AA.
AC Q9GPP0;
DT 01-MAR-2001 (Tremblrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (Tremblrel. 16, Last sequence update)
DE IMMOBILIZATION ANTIGEN LD (FRAGMENT).
GN SERLB.
OS Tetrahymena thermophila.
OC Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Oligohymenophorea; Hymenostomatida;
OC Tetrahymenina; Tetrahymena.
OX NCBI_TaxID=5911;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=ANF18211;
RX MEDLINE=20549003; PubMed=11095959;
RA Doerder F.P., Gerber C.A.;
RT "Molecular Characterization of the SerL Paralogs of Tetrahymena thermophila."
RL Biochem. Biophys. Res. Commun. 278:621-626(2000).
DR EMBL: AF312775; AAC38107.1; -.
FT NON_TER 1
SQ SEQUENCE 371 AA; 35175 MW; 5817EFFC2517DEAC CRC64;
```

```
Query Match 13.68; Score 345; DB 5; Length 371;
Best Local Similarity 30.18; Pred. No. 1.3e-19;
Matches 141; Conservative 41; Mismatches 175; Indels 112; Gaps 33;
```

```
QY 8 ILIISLFINQIKSAN-CPVGTETTAGQVDDLGTAPANCVCQKNFYNNAAAFVPGASTC 66
Db 6 LILISLAV--IATVNAC---TDTNATA-----GAGGTCTF-CNAGYGTSTDTVTSAG--C 52
QY 67 TPCPQKADGAQNPATANLVTCNVKCPAGTAAGGATDYAAIITECVNCRINFYNEN 126
Db 53 QKCPGTGNSVA---ATASGLTVISCT-----CNDTNAGLKADNSG-----CQCKANFY--G 98
QY 127 APNENAGAST-CTACPNRVGGALTAGNAATIAVACNVACPTGTALDDGVITDYVRSFTE 185
Db 99 TPNVAVAGGTGCTACP---TGTASPGTAATVTSACN-----DTNASLKGDN 143
```

```
QY 186 CVKRLNRYNGNNGTTPNPGKSOCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITTAOCNVACPDGT 245
Db 144 GCCKANFYGTGN-----AVAGGATGCTACP-----TGSAAAAGSTAVTSCACN-----DT 189
QY 246 ISAAGVNNWVAQNTNCAPNFYNNPNPNCNST-CLPCPANKDYGAETAGGAAATL 304
Db 190 NSAL-----KADNSACI--CKANFY--GTPNAVAGGATGCTACPT-----GSAAAAAGSTAVT 237
QY 305 AKOCNIAACPDGTATASGATNVVILQTECLNCAANFYFDGNNFQAGSSRCKACPANKVQGA 364
Db 238 SCACN-----DTNSALKADN-----SACI--CKANFYGTTPNAVAGGATGCTACPT-----GT 282
QY 365 VATAGGATATLIAQCALECPAGTVLTDGTTSTYKQAASECYKCAANFYTTKQTDWAGIDT 424
Db 283 TSTAG--TTVIGSCA--CP-----DTNASLNTATPPVQCQCANFYGTPTTTGASG--- 328
QY 425 CTSCNKKLTSGAEANLPESAKKNIQCFAN-----FLSISLLISLYLL 468
Db 329 CTAC-----PSQOTA--PAGSATNV-CKAASSTSYVILPIVSLFLSLVML 370
```

```
RESULT 5
Q9GPP3 PRELIMINARY; PRT; 316 AA.
AC Q9GPP3;
DT 01-MAR-2001 (Tremblrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (Tremblrel. 16, Last sequence update)
DE IMMOBILIZATION ANTIGEN LB (FRAGMENT).
GN SERLB.
OS Tetrahymena thermophila.
OC Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Oligohymenophorea; Hymenostomatida;
OC Tetrahymenina; Tetrahymena.
OX NCBI_TaxID=5911;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=B;
RX MEDLINE=20549003; PubMed=11095959;
RA Doerder F.P., Gerber C.A.;
RT "Molecular Characterization of the SerL Paralogs of Tetrahymena thermophila."
RL Biochem. Biophys. Res. Commun. 278:621-626(2000).
DR EMBL: AF312771; AAG38117.1; -.
FT NON_TER 1
SQ SEQUENCE 316 AA; 30008 MW; 133A0B7D0797A3BD CRC64;
```

```
Query Match 11.44; Score 289.5; DB 5; Length 316;
Best Local Similarity 30.18; Pred. No. 2.6e-15;
Matches 118; Conservative 35; Mismatches 140; Indels 99; Gaps 29;
```

```
QY 8 ILIISLFINQIKSAN-CPVGTETTAGQVDDLGTAPANCVCQKNFYNNAAAFVPGASTC 66
Db 6 LILISLAV--IATVNAC---TDTNATA-----GAGGTCTF-CNAG-YGTSTDTVTPSGS-C 52
QY 67 TPCPQKADGAQNPATANLVTCNVKCPAGTAAGGATDYAAIITECVNCRINFYNEN 126
Db 53 TKCPGTGNSAA---ATASGLTVSSCT--CNDTNASLKGDN-----SGC-QCKANFY--G 98
QY 127 APN-ENAGASTCTACPNRVGGALTAGNAATIAVACNVACPTGTALDDGVITDYVRSFTE 185
Db 99 TPNVAVAGGTGCTACP---TGTTSPTAGTAATVTSACN-----DTNASLKGDN 143
QY 186 CVKRLNRYNGNNGTTPNPGKSOCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITTAOCNVACPDGT 245
Db 144 GCCKANFYGTGN-----AVSGGATGCTACPTGSA-----AAGSTAVTSCACNDTN 190
QY 246 ISAAGVNNWVAQNTNCAPNFYNNPNPNCNST-CLPCPANKDYGAETAGGAAATL 304
Db 191 SSLK-----ADNSACV-CKANFY--GTPNAVAGGATGCTACPT-----GTTSTAG--TTV 235
QY 305 AKOCNIAACPDGTATASGATNVVILQTECLNCAANFYFDGNNFQAGSSRCKACPANKVQGA 364
```

Wed Dec 26 12:01:45 2001

```

DB 236 IGSC--ACPDNALNSATPPV-----CQKANFY--GPTASGASCTACPS-----GQ 281
QY 365 VATAGGTATLIAQCALECPAGTAVLTDGTTSTY 396
DB 282 TAPA-GSATNVCKAA-----STSSY 301

RESULT 6
Q9GPP4 PRELIMINARY; PRT; 316 AA.
AC Q9GPP4;
DT 01-MAR-2001 (TReMBLrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (TReMBLrel. 16, Last sequence update)
DE IMMOBILIZATION ANTIGEN LA (FRAGMENT).
GN SERLA.
OS Tetrahymena thermophila.
OC Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Oligohymenophorea; Hymenostomatida;
OC Tetrahymenina; Tetrahymena.
OX NCBI_TaxID=5911;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=B;
RX MEDLINE=20549003; PubMed=11095959;
RA Doerder F.P., Gerber C.A.;
RT "Molecular Characterization of the SerL Paralogs of Tetrahymena
thermophila.";
RL Biochem. Biophys. Res. Commun. 278:621-626(2000).
DR EMBL; AF312770; AAG38116.1; -.
FT NON_TER 1
FT SEQUENCE 316 AA; 30100 MW; 1A13D076F28ED3BD CRC64;
SQ

Query Match 11.3%; Score 286.5; DB 5; Length 316;
Best Local Similarity 30.1%; Pred. No. 4.5e-15;
Matches 118; Conservative 35; Mismatches 140; Indels 99; Gaps 29;

QY 8 ILIISLFINQIKSAN-CPVGTETNTAGVDDLTGPANVCNCKNFYNNAAAFVPGASTC 66
DB 6 LILISLAV--IATVNAC---TDTNATA-----GAGGTCTF-CNAG-YYGTSTDVTPSGS-C 52
QY 67 TPCPKKDKAGQPNPATANLVTCNVKCPAGTAIAGGATDYAAIITEVCNCRINFYNEN 126
DB 53 TKCPTGTNSAA--ATASGTLVSSCT--CNDTNASLKGDN-----SGC-QCKANFY--G 98
QY 127 APN-FNAGASTCTACPNRVGGALTAGNAATIVAOQNVACPTGTALDDGVTTDYVRSFTE 185
DB 99 TPNNAVSGGATGCSACP---TGTTSPAGTAAVTSCACN-----DTNASLKGDN 143
QY 186 CVKRLNFYNGNGNTPFPNGKSOCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITIAQCNVACPDGT 245
DB 144 GCQKANFYGTNP-----AVSGGATGCTACTGSA-----AAGSTAVTSCACNDTN 190
QY 246 ISAAGVNNWAQNTCTNCAPNFYNNNAPNPNST-CLPCPANKDYGAETAGGAATL 304
DB 191 SSLK-----ADNSACV-CKANFY--GTPNAVAGGATGCTACTP---GTTSTAG--TTV 235
QY 305 AKQCNACPDGTATASGATNVVILQTECLNCAANFYFDGNNFOAGSSRCKACPAKPVQGA 364
DB 236 IGSC--ACPDNALNSATPPV-----CQKANFY--GPTASGASCTACPS-----GQ 281
QY 365 VATAGGTATLIAQCALECPAGTAVLTDGTTSTY 396
DB 282 TAPA-GSATNVCKAA-----STSSY 301

RESULT 7
Q9GPP2 PRELIMINARY; PRT; 305 AA.
AC Q9GPP2;
DT 01-MAR-2001 (TReMBLrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (TReMBLrel. 16, Last sequence update)

```

```

DT 01-MAR-2001 (TReMBLrel. 16, Last annotation update)
DE IMMOBILIZATION ANTIGEN LC (FRAGMENT).
GN SERLC.
OS Tetrahymena thermophila.
OC Eukaryota; Alveolata; Ciliophora; Oligohymenophorea; Hymenostomatida;
OC Tetrahymenina; Tetrahymena.
OX NCBI_TaxID=5911;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=B;
RX MEDLINE=20549003; PubMed=11095959;
RA Doerder F.P., Gerber C.A.;
RT "Molecular Characterization of the SerL Paralogs of Tetrahymena
thermophila.";
RL Biochem. Biophys. Res. Commun. 278:621-626(2000).
DR EMBL; AF312772; AAG38118.1; -.
FT NON_TER 1
FT SEQUENCE 305 AA; 28863 MW; 0568C353A0253564 CRC64;
SQ

Query Match 11.2%; Score 283.5; DB 5; Length 305;
Best Local Similarity 30.1%; Pred. No. 7.6e-15;
Matches 118; Conservative 34; Mismatches 141; Indels 99; Gaps 29;

QY 8 ILIISLFINQIKSAN-CPVGTETNTAGVDDLTGPANVCNCKNFYNNAAAFVPGASTC 66
DB 6 LILISLAV--IATVNAC---TDTNATA-----GAGGTCTF-CNAG-YYGTSTDVTPSGS-C 52
QY 67 TPCPKKDKAGQPNPATANLVTCNVKCPAGTAIAGGATDYAAIITEVCNCRINFYNEN 126
DB 53 TKCPTGTNSVA--ATASGTLVSSCT--CNDTNASLKGDN-----SGC-QCKANFY--G 98
QY 127 APN-FNAGASTCTACPNRVGGALTAGNAATIVAOQNVACPTGTALDDGVTTDYVRSFTE 185
DB 99 TPNNAVSGGATGCSACP---TGTTSPAGTAAVTSCACN-----DTNASLKGDN 143
QY 186 CVKRLNFYNGNGNTPFPNGKSOCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITIAQCNVACPDGT 245
DB 144 GCQKANFYGTNP-----AVAGGATGCTACTGSA-----AAGSTAVTSCACNDTN 190
QY 246 ISAAGVNNWAQNTCTNCAPNFYNNNAPNPNST-CLPCPANKDYGAETAGGAATL 304
DB 191 SSLK-----ADNSACV-CKANFY--GTPNAVAGGATGCTACTP---GTTSTAG--TTV 235
QY 305 AKQCNACPDGTATASGATNVVILQTECLNCAANFYFDGNNFOAGSSRCKACPAKPVQGA 364
DB 236 IGSC--ACPDNALNSATPPV-----CQKANFY--GPTASGASCTACPS-----GQ 281
QY 365 VATAGGTATLIAQCALECPAGTAVLTDGTTSTY 396
DB 282 TAPA-GSATNVCKAA-----STSSY 301

RESULT 8
Q24970 PRELIMINARY; PRT; 594 AA.
ID Q24970;
AC Q24970;
DT 01-NOV-1996 (TReMBLrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (TReMBLrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TReMBLrel. 17, Last annotation update)
DE VARIANT-SPECIFIC SURFACE PROTEIN.
GN VSPA6-SL.
OS Giardia lamblia (Giardia intestinalis).
OC Eukaryota; Diplomonadida; Hexamitidae; Giardia.
OX NCBI_TaxID=5741;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN-WBAG;
RA Yang Y., Adam R.D.;
RL Infect. Immun. 0:0-0(0).
DR EMBL; U17980; AAA82585.1; -.
DR InterPro; IPR000345; Cyto_heme_bind.

```

```
DR InterPro: IPR000561; EGF-like.
DR InterPro: IPR002174; Furin-like.
DR PROSITE: PS00190; CYTOCHROME_C; UNKNOWN_1.
DR SMART: SM00181; EGF; 2.
DR SMART: SM00261; FU; 6.
SQ SEQUENCE 594 AA; 59575 MW; 9680818FB75F52AC CRC64;

Query Match          9.3%; Score 236; DB 5; Length 594;
Best Local Similarity 23.2%; Pred. No. 7.9e-11;
Matches 131; Conservative 47; Mismatches 207; Indels 180; Gaps 32;

QY 20 SANCPCVGTETNTAGQVDDLTGPANCVCQKNF--YNNAAAFVPGASTCTPCPKKADAGAQ 78
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 79 PNPP-----ATANLVTC-----NVKCPAGTAIA-----GGA-----TDYAAII 112
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 86 -NAPCTACAGTADKCTCKDANGAAPYLKTNPSDPTGCVSAVDCQGSAGYYTDDSVSDA 144
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 113 TECVNCRINFYENAPN-----FNAGASTCTACPNRVGGALTAGNAATIVACQNVACP 166
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 145 KECKKA----EQKPNPTAGTCFSCSDANCERCQNDQNCARCSTG-APPENKCPAATP 199
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 167 TGTALDDGVTTDYVRSFTE-CVKCRNLFEYN-----GNNG-----NTPF----- 204
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 200 GCHSSCDGCTENAMTNOADKCTGCKEGRYLKPESAAGSGTCLTAECTSDTHFTKEKA 259
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 205 NFGKSOCTPCPAIKPA-----NVAQATLGNATITTAQCNVACPQGTISAAQNNVNAQNT 259
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 260 GDSKGMLPCSDATHGIAGCKKCALKTLGSAESTVVGCS-ECTDKWLTSPG-----NA 311
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 260 ECTNCAPNFINNAPNFNPGNSTCLPCPANKD-----YCAEATAGGAATLA 305
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 312 CLDNCPCAGTYPNDNLCTSCHDTCEACGNADRASCTACYPGYSLLYS-CTAG-----TCV 367
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 306 KONTA-----CPDG-----TAI-ASGATNY-VILQTECL 333
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 368 KECTGAFGANCADGCTADVGGAKYCAQCKDGYAPIDGICTAVAAAGRTNVCTRADGTC 427
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 334 NCAANF-YFDGNF-----QAGSRCKAPANKVOGAVATAGGATLIAQCAL 380
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 428 KCAGETLMSGGCGYVAKLPKSVCTLASNCKCINCAAN-----GQAPVQEKCP- 476
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 381 ECPAG-----TVLTDGTTSTYKQAASECVKCAANFYTTKQTDWAGIDTC----- 425
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 477 ECSEGCACKNDNACTECLPGYKAGDKCFKCTASSGNNNQITGVANCVTCAPPAGSG 536
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 426 -TSCNKKL--TSGAEANLPESAKN 447
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 537 SVTCYVKTDGTSGGDDNTGGSVNKS 561
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

RESULT 9
O97448 PRELIMINARY; PRT; 645 AA.
AC O97448;
DT 01-MAY-1999 (TrEMBLrel. 10, Created)
DT 01-MAY-1999 (TrEMBLrel. 10, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE CYSTEINE-RICH PROTEIN.
OS Giardia lamblia (Giardia intestinalis).
OC Eukaryota; Diplomonadida; Hexamitidae; Giardia.
OX NCBI_TaxID=5741;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
GN CRP65.
GI MEDLINE=9618689; PubMed=8635746;
RA Chen N., Upcroft J.A., Upcroft P.;
RT "A new cysteine-rich protein-encoding gene family in Giardia
RL duodenalis.";
RT Gene 169:33-38(1996).
DR EMBL; L39804; AAB06228.1; -.
```

```
DR InterPro: IPR000561; EGF-like.
DR InterPro: IPR002174; Furin-like.
DR PROSITE: PS01186; EGF_2; UNKNOWN_4.
DR SMART: SM00261; FU; 3.
SQ SEQUENCE 645 AA; 65262 MW; F19FE98DB0AA589 CRC64;

Query Match          9.1%; Score 232; DB 5; Length 645;
Best Local Similarity 22.9%; Pred. No. 1.8e-10;
Matches 117; Conservative 40; Mismatches 183; Indels 170; Gaps 28;

QY 19 KSANCPVGTETNTAGQVDDLTGPANCVCQKNFYNNAAFVPGASTCTPC--PQKADAG 76
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 176 KASWIDCGEELKRAG-----CATC-----TAVGPNQGTCLTCNGGQKQVOLN 216
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 77 AOPNPATANLVTCNVKCPAGTAIAGATDYAAIITECVNCRINFYN-----ENAPNFN 131
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 217 G-----ISGDSQSPNSAANPD-----ICEC-NEGFNLNSGDKGCEKASNTD 257
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 132 -----AGASTCTACPNRVGGALTAGNAATIV-----AOCNVACPTGTALDDGVTTDYV 180
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 258 CGEELKRAGCATCTAVGPN--GQTCCLTCNGGQKQVOLNGISGDSQSPNSAANPD----- 310
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 181 RSFTECVKCRNLFEYNGNG-----NTPFPNGKSQCTPCPAIKPAN--VAQAT 226
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 311 -----CECNEGFNLNSGDKGCEKASNTQCTNP-----NCKICDNPKTDNEVCTECN 356
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 227 LGNDATTIQAQCNVACPQGTISAAQNNVNAQNTNCAPNFNNNAPNFNPGNSTCLPC 286
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 357 DGDYLTPTNQCPDCT--TISGYGDN---DKKCKACSPC---AECVGPANNQCSSC 406
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 287 PANK--DYGAETAGGAATLAKQNIACPDGTATAS-----GATNYVI-----LOTE----- 331
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 407 PAGKLLTYTDDSNPNNGTCTGCDACKVSA-DGTGCTGAQIGGTAYCSKCKTSTQAPLNG 465
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 332 -----CLNCAANFYF-DG-----NNFOAGSSRCKACPA 358
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 466 DCAASSRATFCTKMGNGVCVQCEDNFFLKDGCGYQYDTRQPKQVCSNAQGGNGKQCTC--- 533
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 359 NKVOGAVATAGGTATLIAQCALECPAGTVLTDGTTSTYKQAASECVKCAANFYTTQTQDW 418
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 524 --ANGLAATDGNCAECHPTCA-----TCSAPSTASSCKTCATGYKENGDDT 568
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 419 VAGIDTCTCNKKLTSGAEANLPESAKNI 448
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QY 569 TDG--PCMCKSEKI-SGCKQCVSSSGSVI 595
DB   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

RESULT 10
O24977 PRELIMINARY; PRT; 1275 AA.
AC O24977;
DT 01-NOV-1996 (TrEMBLrel. 01, Created)
DT 01-NOV-1996 (TrEMBLrel. 01, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TrEMBLrel. 17, Last annotation update)
DE CYSTEINE RICH PROTEIN.
OS Giardia lamblia (Giardia intestinalis).
OC Eukaryota; Diplomonadida; Hexamitidae; Giardia.
OX NCBI_TaxID=5741;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RA Chen N., Upcroft P., Upcroft J.;
RA Parasitology 111:0-0(0).
DR EMBL; L29079; AAA74587.1; -.
DR InterPro: IPR000345; CytC_heme_bind.
DR InterPro: IPR000561; EGF-like.
DR PROSITE: PS002174; Furin-like.
DR SMART: SM00181; EGF; 23.
DR SMART: SM00261; FU; 14.
SQ SEQUENCE 1275 AA; 135848 MW; 58E21622872A971A CRC64;
```

Query Match 9.0%; Score 228; DB 5; Length 1275;
Best Local Similarity 23.1%; Pred. No. 7.1e-10;
Matches 119; Conservative 35; Mismatches 183; Indels 178; Gaps 30;

QY 21 ANCPV-GTETNTAGQVDDLTGTPANCVCNCKNEYN-----NAAAFPGASTCTPC 69
DB 801 APCNVEGCTCEVGNAAQ-----QCKTCRPGYTINTDKQCTKDEAPCNVEGCTCV-- 852
QY 70 POKKDAQAQP-----NPPATANIVTQ-----CNVK-CPAGTAIAGATDYAAIITEC 115
DB 853 -----EGNAQCKTCRPGYTINTDKQCTKDEAPCNVEGCE--TCVEGNA-----QOC 899
QY 116 VNCRIINFYNAPNPNAGASTCTACPVNVRVGCALTAGNAATVAOCNVACPTGTALDDGV 175
DB 900 KTCRPGY-----TINTDKQCTKDP-----EAPCNV-----EGC 928
QY 176 TTDYVRSFTCEVKCRNLNFYNNNG-----NTPENPKGSKQCTPCPAIKPANVAQA 225
DB 929 ETCVEGNAQCKTCRPGYTINTDKQCTKDEAPCNTP-----NCKTCDNPKTDNEI-C 981
QY 226 TLGNDAITTAOCNVACPDGTISAAGV-----NNVQAQNTCTNCAPNFYNNAPNPN 280
DB 982 TKNDGDYLTPTNQCPDCT-AISGYGTDKCKKACNPECAEV-----GPN 1029
QY 281 STCLPCPANK--DYGAETAGGAATLAKQCNIA-----CPD-----GTAIASGATN--- 324
DB 1030 NQCTACPVGKMLQYTDNTNPVNGTCTMDQCSVSSSTNDGCAEGGAIGGTAYCCKKNTQ 1089
QY 325 -----YVLOTELNCANFYP-DG-----NPFQAGSSRC 353
DB 1090 APLNGNCAASSRVAFCATITSGACTKCEGYFLKDGCGYQTDROPQKQVCSNAOAGNGKC 1149
QY 354 KACPANKVQAVATAGTATLIAQCALECPAGVTLVDGTTSTYKQAASBCVKCAANFYTT 413
DB 1150 QTC-----ANGLASDGNCA-ECHS-----TCATCST-ADRAADCKTCATGYIKE 1192
QY 414 KQTDWVAGIDTCTSCNKKLTSGAEANLPESAKNI 448
DB 1193 NGDDTTAGL--CKKCKSEKI-SGCKQCVSSSGSVI 1224

RESULT 11
Q9XTK3 ID Q9XTK3 PRELIMINARY; PRT; 667 AA.
AC Q9XTK3;
DT 01-NOV-1999 (Tremblrel. 12, Created)
DT 01-NOV-1999 (Tremblrel. 12, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Last annotation update)
DE VSP417-3/A-II.
GN VSP417-3/A-II.
OS Giardia lamblia (Giardia intestinalis).
OC Eukaryota; Diplomonadida; Hexamitidae; Giardiinae; Giardia.
OX NCBI_TaxID=5741;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=BRIS-136;
RA Ey P.L., Darby J.M.;
RX MEDLINE=99053029; PubMed=9836309;
FA Ey P.L., Darby J.M., Mayrhofer G.;
RT "Comparison of tsal417-like variant-specific surface protein (VSP) genes in Giardia intestinalis and identification of a novel locus in genetic group II isolates."
RL Parasitology 117:0-0(0).
RL EMBL; AF033584; AAD03497.1; -.
DR HSSP; P02468; ITLE.
DR InterPro; IPR000561; EGF-like.
DR InterPro; IPR002174; Furin-like.
DR SMART; SM00181; EGF; 2.
DR SMART; SM00001; EGF-like; 1.
DR SMART; SM00261; FU; 3.
DR SMART; SM00261; FU; 3.
SQ SEQUENCE 667 AA; 69123 MW; 77C64CF59441C0C CRC64;

Query Match 9.0%; Score 227.5; DB 5; Length 667;

Best Local Similarity 24.3%; Pred. No. 4.1e-10;
Matches 120; Conservative 39; Mismatches 176; Indels 159; Gaps 33;

QY 18 IKSANCPVGTETNTAGQVDDLTGTPANCVN--CQKNFYNNAAAFV-----PG 62
DB 171 IKATATC-TGCDSNKIVKTDTSGT--SCIESACSNGFFVSDQRKAQSKDYKICPRIDDDPA 227
QY 63 ASTCTPCQKQKADAGAPNPATANLVTCN-----VKCPAGTAIAGGAT 106
DB 228 KANTACSDNK-----KPNLEG-----TECNSTCDQHCACFAEAGTCCKSSGFLDG--- 275
QY 107 DYAAIITEC--VNCRIINFYNAPNPNAGASTCTAC-----PVNR-VGGALTAGN--A 154
DB 276 -QNCVKSCKTENCKA-----CTNPKAANEVCTECYFTHLTPTSQCVQYCTGLGNYA 328
QY 155 AT-----IVAQCQNV-CPTGTALDDGVTTDYVRSFTCEVKCRNLNFYNNNGNTPENPG 207
DB 329 GTNADNKNACKECRVANCK--TCVDQG-----QCQTCNNGFYKNGDACSPCHESC 376
QY 208 K-----SQCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITTAOCNVACPDGTISAAGVNNVVAQNT 260
DB 377 KTCAGTASDCTCKPTGKALR-----YGNDDGT-KGTCGEGCTTGKSGA----- 419
QY 261 CTNCAPNFYNNAPNPNPGNSTCLPCPANKDYG-----AEATAGGAATLAKQCNIA---- 311
DB 420 CKTCGLTI-----DGASYCSECATTEYPONGICTSTTARTAT-CKNSNVANGIC 469
QY 312 --CPDGTAIASG---ATNY-----VILQT-----ECLNCAANFYFDG--NFOAGSSRCAC 356
DB 470 SLCTNGFLRMNGGCVETTKFPKSKVCTTTPDADCTSVTSYIDGSSNLVVCSDGCAEC 529
QY 357 PANKVOGAVATAGGTATLI--AQALECPAGTIVLTDGTTSTYKQAASBCVKCAANFYTTK 414
DB 530 TTS-----SACTCKDGKTYTKIGNSQCTK-----DSSCETCTGAATCKACATGYTK- 578
QY 415 QTDWVAGIDTCTSC 428
DB 579 -----ALGESTCTCSC 588

RESULT 12
Q9U019 ID Q9U019 PRELIMINARY; PRT; 719 AA.
AC Q9U019;
DT 01-MAY-2000 (Tremblrel. 13, Created)
DT 01-MAY-2000 (Tremblrel. 13, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (Tremblrel. 17, Last annotation update)
DE VARIANT-SPECIFIC SURFACE PROTEIN.
GN VSP417-7.
OS Giardia lamblia (Giardia intestinalis).
OC Eukaryota; Diplomonadida; Hexamitidae; Giardiinae; Giardia.
OX NCBI_TaxID=5741;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN=BRIS-136;
RA Ey P.L., Darby J.M.;
RT "A new locus (vsp417-7) belonging to the subfamily of tsal417-like variant-specific surface protein (vsp) genes in Giardia intestinalis."
RL Submitted (MAY-1998) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL; AF067148; AAF21772.1; -.
DR HSSP; P35555; 1EMN.
DR InterPro; IPR000561; EGF-like.
DR InterPro; IPR002174; Furin-like.
DR SMART; SM00181; EGF; 2.
DR SMART; SM00261; FU; 4.
SQ SEQUENCE 719 AA; 73874 MW; E409450249E3F716 CRC64;

Query Match 8.9%; Score 226; DB 5; Length 719;
Best Local Similarity 23.3%; Pred. No. 5.9e-10;
Matches 109; Conservative 40; Mismatches 178; Indels 140; Gaps 25;

QY 176 TTDYVRSFTECVKRLNFYNGNG-----NTPFNGKSOCTPCPAIKPANYAQA 225
Db 929 ETCVGNQAQCKTCRPGYTINTDKQCTKDPKPEACNTP-----NCKTCDNPKTDNEI-C 981
QY 226 TLGNDATITACQNVACPDGTISAAGV-----NNWVAQNTCTNAPNFYNNAPNPN 280
Db 982 TKCNDGDLTPTNQVPDCT-AISGYGDTDKKACNPECAECV-----GPN 1029
QY 281 STCLPCPANK--DYGAETAGGAATLAKQCNIA-----CPD-----GTATAGATN--- 324
Db 1030 NOCTACPVCKMLQYTDTPVNGGTCMDQCSVSTNDGCAEGAGIAGTAYCSKCKNTQ 1089
QY 325 -----YVILQTECLNCAANFYF-DG-----NNFOAGSSRC 353
Db 1090 APLNGNCAASSRVAFCAITSGACTKCEGYFLKDGCGYQTDROPQKQVCSNAQGGNGKC 1149
QY 354 KACPANKVOGAVATAGGATLTAQALCECPAGTVLTDTSTYKQAASECVKCAANFYTT 413
Db 1150 QTC-----ANGLAASDGNCA-ECHS-----TCATCST-ADAADKCKTKCATGYNKE 1192
QY 414 KOTDWWAGIDTCTSCNKKLTSGAEANLPESAKNI 448
Db 1193 NGDDTTAGL--CKKSEKI-SECKQCVSSSGSVI 1224

RESULT 15
Q9GQ45 PRELIMINARY; PRT: 548 AA.
AC Q9GQ45;
DT 01-MAR-2001 (TREMBLrel. 16, Created)
DT 01-MAR-2001 (TREMBLrel. 16, Last sequence update)
DT 01-JUN-2001 (TREMBLrel. 17, Last annotation update)
DE VARIANT-SPECIFIC SURFACE PROTEIN M21-1 (FRAGMENT).
GN M21-1.
OS Giardia lamblia (Giardia intestinalis).
OC Eukaryota; Diplomonadida; Hexamitidae; Giardiinae; Giardia.
OX NCBI_TaxID=5741;
RN [1]
RP SEQUENCE FROM N.A.
RC STRAIN-AD-1;
RA Mansouri M., Ey P.L.;
RT "A segment of a vsp72-like gene homolog from a type A-I (group 1)
RT Giardia intestinalis isolate.";
RL Submitted (AUG-2000) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
DR EMBL: AF298862; AAG37862.1; -
DR InterPro: IPR000345; Cytc_heme_bind.
DR InterPro: IPR000561; EGF-like.
DR InterPro: IPR002174; Furin-like.
DR SMART: SM00181; EGF; 2.
DR SMART: SM00001; EGF-like; 1.
DR SMART: SM00261; FU; 5.
DR PROSITE: PS00190; CYTOCHROME_C; UNKNOWN_1.
FT NON_TER 1
FT NON_TER 548 548
SQ SEQUENCE 548 AA; 56557 MW; 578FE4FDA0A2CF0E CRC64;

Query Match 8.6%; Score 218.5; DB 5; Length 548;
Best Local Similarity 21.0%; Pred. No. 1.7e-09;
Matches 123; Conservative 51; Mismatches 201; Indels 211; Gaps 32;

QY 10 IISLFINQIKSANCPVGTETNTAGQVDDLGTTPANCVCNCKNFYNNAAAFVPG----- 62
Db 3 LIPLFVVSALAVTC-----QADKCTVGNTEICTQCRARGVPVDFGFCWPPGFQAAAA 55
QY 63 -----ASTCTPC-----PQKDKAGQPNPPATANLVTCNV----- 93
Db 56 GCTEEDGVPLDKTAATCGKGGDGYLLFMGCGYKTESQPGSDICTAASNGVCTECNTKGL 115
QY 94 -KCPAGTATAG-----GATDYAAIITECVNCRINFYNENAPENAGASTCTACP- 141
Db 116 FRNPATAPEKGEICILCHDATGADGYMG-VEGCATC-----TAPTNKGAATCTECOD 167

QY 142 -VNRVGA-----LTAGNAATIVA-----QCNVA--CPTGTALDDGVTTDV 180
Db 168 GYNDGGACKKVDGCDICTGANOCCTCEDGKYLKNNQCVDAQCDQGYADP--TTGQC 225
QY 181 R--SFTECVKRLNFYNGNGNTPENPGKSOCTPCPAIKPANVAQATLGNDAITFAOCN 238
Db 226 KPGITDDCATCEYNATIS-----QPQCKTCTSSNKMVKTA--DGTTCVDD 271
QY 239 VACPDPG-TISAAGVN-----NWVAQNTCTNAPNFYNNAPNPN 279
Db 272 GGCTNGNTHFVEGTNOKLVCVPCGDTTNGGVLGCNTCSSKTTCTKCLDGYDGS-----G 326
QY 280 NSTCLPCPANKDYGAETAGGAATLA-----KOCNIACPDGTATASGATNVVILQTECLNC 335
Db 327 TVTCTACP-----GANCATLCERYKRQCT-TCKPFFFLKDSGG-----ECISC 369
QY 336 AANFYDGNFQAGSSRCRCKACPAKPVQGAATAG-----GTA-----TLIAQCALE--- 381
Db 370 S-----DKNN--GGHEGCSACSSN--GAFKCTDCKPNYKKEGTSNNTYTCVKTCDEETAC 419
QY 382 -----CPAGTVLTDTSTYKQAASE-----CYKC-AANF 410
Db 420 GGTSGACDAIVIDENGNTKHYCSFCGSGKFPIDGLCASDKANNNGCANGVCTCTCTAANY 479
QY 411 YT-----TKQTDWVAGIDTCTSCNKKLTSGAEAN-----LPESAKIN 447
Db 480 FLYMGCGYKNTVPGSHMCKTANNVGCTAVSENKNKYFIVPGASNQN 525

Search completed: December 26, 2001, 10:38:54
Job time: 195 sec